



TITLE:

# 種分化を支配する遺伝的システムの 確率モデルの研究(集団生物学の 理論的研究,研究会報告)

AUTHOR(S):

丸山, 毅夫

---

CITATION:

丸山, 毅夫. 種分化を支配する遺伝的システムの確率モデルの研究(集団生物学の理論的研究,研究会報告). 物性研究 1983, 40(1): 144-145

ISSUE DATE:

1983-04-20

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/90870>

RIGHT:

寺本英

サイズ分布では  $f(y) \propto y^{-1}$  という分布がよくみられる。

これらの共通した性質をもった分布が広い対象について見られるということは、正規分布がそうであるように、その根底に共通した確率的特性が見出される可能性を示唆しているようにも思える。これらの対象が内在的に生長する力をもったものに思えることから、まず生物集団を対象に取りあげて、その確率過程の特性がいかに上記の分布法則に関係しているかを詳しく解析した結果を紹介する。

## 種分化を支配する遺伝的システムの確率モデルの研究

国立遺伝学研究所 丸 山 毅 夫

自然界に存在する種の間には交雑を防げる遺伝的隔離が発達していることはよく知られている。この機構については古くからいろいろな仮説が提唱されてきた。今まで調べられた実際例をみると、隔離はいくつかの遺伝子座が関与し、そこには互に incompatible な対立遺伝子が存在することが多い。たとえば、起源を同じにする2種をAとBとすると、互に相同な1個（或は数個）の遺伝子座に、種Aでは $\alpha$ 、種Bでは $\beta$ といった対立遺伝子とその遺伝子座で高い頻度で存在する。そして、A種内で $\alpha\alpha$ 個体は正常に生育し、同じように、B種内で $\beta\beta$ 個体は正常である。ところがA種とB種の交雑から生ずる $\alpha\beta$ 個体は死亡するとか或は生存力が極端に低くなる。しかし、共通祖先から由来する如何なる種も、はじめは遺伝的に同じで、互に交配が可能なのであるから、種形成の過程で上に述べたような対立遺伝子の置換が少なくとも一方の種に起きたことになる。いま置換がB種で起きたとしよう。つまり、B種の集団で $\alpha$ から $\beta$ が生じ、次第に頻度を増して遂に $\beta$ がB種全体に広がったとする。このような対立遺伝子 $\alpha$ から $\beta$ への置換は同一集団で容易に起こるものではない。なぜなら、 $\alpha$ も $\beta$ もそれぞれのホモ接合は正常であり、ヘテロ接合 $\alpha\beta$ 個体が不利であるため、どちらか頻度の低い方が消失する運命にある。唯、集団の大きさが比較的小さく、遺伝的浮動が働くような状態の下では上述のような進化が可能となる。

このような事情をふまえ、ここでは種分化の数学的モデルの解析を行なった。まず集団は毎代N個の二倍体生物からなり、1つの遺伝子座が種分化に必要な不和合性を決定しているとす。そこに $\alpha_1, \alpha_2, \dots$ といった対立遺伝子が存在し、突然変異は $\alpha_i$ から $\alpha_{i+1}$ と $\alpha_{i-1}$ へ $v/2$ の確率で起こるとする。 $\alpha_1\alpha_1, \alpha_2\alpha_2$ などのホモ接合と $\alpha_i\alpha_{i-1}$ 或は $\alpha_i\alpha_{i+1}$ のような突然変異を

1ステップ隔てたヘテロ接合は正常で、 $\alpha_i \alpha_{i \pm k}$  ( $k \geq 2$ )ヘテロ接合は致死であるとする。ここでは説明を簡単にするためステップ状に並ぶ対立遺伝子を考えたが、これは一般化でき、得られる結論は変わらない。いま  $x_i(t)$  を時間  $t$  における  $\alpha_i$  の頻度とすると、次のような確率微分方程式で表現できる。

$$dx_i(t) = \sum_{j \neq i} \sigma(i, j) \sqrt{x_i(t)x_j(t)} dB_{ij} + 2Nm_i(x)dt \quad (1)$$

ここで、 $m_i(x) = x_i(t)(W_i - W)/W + v/2 \{x_{i+1}(t) - 2x_i(t) + x_{i-1}(t)\}$ ,  $W_i = \sum_j x_i(t)x_j(t)s_{ij}$ ,  $W = \sum_{ij} x_i(t)x_j(t)s_{ij}$ 。なお  $i > j$  のとき  $\sigma(i, j) = 1$ ,  $i < j$  のとき  $\sigma(i, j) = -1$ ,  $B_{ij}$  はブラウン運動,  $B_{ji} = B_{ij}$ ,  $i - j \leq 1$  なら  $s_{ij} = 1$ ,  $i - j \geq 2$  なら  $s_{ij} = 0$  である。

方程式(1)によって表現される確率過程は、式(1)を差分方程式で近似することによって見本過程を調べることができる。詳しい解析結果は GENETICS 誌 103: 557~579 (1983)。主な結論を以下に述べる。まず大変興味ある発見は  $2Nv$  の値が小さい場合には、置換が自然選択の働かない中立遺伝子と同じように起こる。具体的には、 $2Nv = 0.01$  或はそれより小さい場合、中立遺伝子の行動と区別がつかない、(図参照)。  $2Nv$  の値が大きくなり、1に達すると遺伝子の置換はほとんど停止する。つまり、1世代当り平均1個くらいの突然変異遺伝子が集団に導入されるような状態では、種の遺伝的隔離が極めて起こり難いことになる。共通な祖先から分れた2つの種の間に遺伝的隔離が進む状況を図によって示した。グラフは2つの種からランダムに配偶子を取り

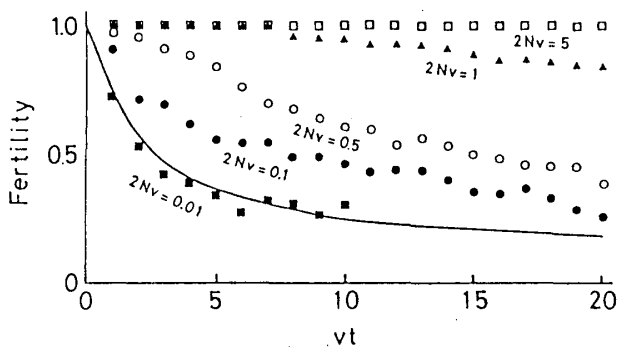


図 1

出して作る接合体が正常(fertile)な組合せである確率が時間と共に減少してゆく状態を示すものである。図の曲線は自然選択が働かないと仮定したとき、2種間で2ステップ以上の置換が進行する状況を示す。図からわかるように  $2Nv$  が小さいと種分化に寄与する遺伝子の置換は自然選択が働かないときと同じ速度で進む。

そして、 $2Nv$  の値が大きくなり、集団

中にたくさんの変異が共存するようになると、遺伝的に遠く離れた対立遺伝子の間でいわゆる脚の引っ張り合いが起こるため、遺伝子の置換は難しくなり、遂には停止してしまう。こうした事情はモデルに特異的な性質ではなく、突然変異の起こり方を変えても、自然選択のかかり方や強さを変えても同じような結果が得られる。式(1)の表現形式は伊藤栄明による。